



# 国内カンキツ育種素材の遺伝的評価およびその効率的活用を目指した統計遺伝学的研究

著者	今井 篤
発行年	2017
学位授与大学	筑波大学 (University of Tsukuba)
学位授与年度	2016
報告番号	12102甲第8189号
URL	<a href="http://hdl.handle.net/2241/00147852">http://hdl.handle.net/2241/00147852</a>

氏名	今井 篤		
学位の種類	博 士 ( 農 学 )		
学位記番号	博 甲 第 8189 号		
学位授与年月日	平成 29年 3月 24日		
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当		
審査研究科	生命環境科学研究科		
学位論文題目	国内カンキツ育種素材の遺伝的評価およびその効率的活用を目指した統計遺伝学的研究		
主査	筑波大学教授 (連係大学院)	農学博士	林 武司
副査	筑波大学教授 (連係大学院)	博士 (農学)	山本 俊哉
副査	筑波大学准教授 (連係大学院)	博士 (農学)	竹澤 邦夫
副査	筑波大学教授	農学博士	大澤 良

## 論 文 の 要 旨

カンキツは国内の農業産出額第11位の重要品目であるとともに（平成25年度産出額1394億円）、他作物の栽培が困難な中間山地や島嶼部での生産面積が大きく地域農業を支える基盤品目となっている。しかしながら、近年、ウンシュウミカンをはじめとするカンキツの栽培面積は販売価格の低下や生産者の高齢化などの要因で減少傾向にある。一方で果実品質が優良なカンキツ新品種は高価格で取引されており、栽培面積も増加している。また、果実品質に優れた品種は海外への輸出品目としても重要であり、政府の成長戦略として掲げられている農業における国際的な競争力の強化に果たす役割も大きい。したがって、特徴のある優良なカンキツ品種を持続的に作出していくことは政策的にも重要であり、我が国の農業の活性化と地域経済の振興に大いに寄与する。

従来のカンキツ育種では新品種が作出される効率は低く、効率を向上させる新たな育種システムの整備が必要な状況となっている。そこで、著者は優良なカンキツ新品種の効率的かつ持続的な作出を可能とする育種システムの構築を目的として、そのための基盤的な情報となる国内の育種集団の遺伝的構造や多様性の評価、育種素材の遺伝的能力の評価に取り組み、さらに幼苗選抜に有用な果実形質に関連したDNAマーカーの探索を行った。主要な成果は以下のように要約される。

国内のカンキツ育種において交雑親として多用される育種素材126品種・系統について、それらの交配履歴を整理することにより系譜図を作成し、21の基礎品種を特定した。これら126品種・系統の推定された近交係数の平均値は $0.029 \pm 0.062$ で低かったが、世代の進んだ品種・系統ほど近交係数が高い傾向にあることを見出し、国内のカンキツ育種素材は交雑育種の進展に伴い近交係数が上昇傾向にあることを明らかにした。126品種・系統と21の基礎品種との相加的血縁係数の推定から、21の基礎品種のうち、ウンシュウミカン、スイートオレンジ、キングマンダリン、クレメンティン、チチュウカイマンダリン、ダンシータンジェリンおよびポンカンの7品種で126品種・系統の遺伝子構成の77.1%を占めることを示し、育種素材の顕著な遺伝的画一化を確認した。これらの結果より、著者は、国内のカンキツ育種素材において、中長期的な観点からは近交度の上昇による近交弱勢や遺伝的画一化がもたらす遺伝的脆弱性への警鐘を鳴らすとともに、短期的には血縁構造を利用した遺伝的能力の評価や重要形質に関連するQTLの集積を効率化できる可能性を示唆した。

また、著者は、カンキツ育種事業における交雑育種の選抜過程で蓄積された表現型データを用いて、系譜情報を考慮するBest Linear Unbiased Prediction (BLUP) 法を応用した育種価の予測と形質分離の予測モデルの作成を行った。育成された交雑実生2011個体について果実重、果皮色、果皮の粗滑の程度、剥皮性、果肉色、果肉の硬さ、じょうのう膜の硬さ、糖度および酸含量の調査を実施し、これらのデータをもとにBLUP法による育種価の予測を行い、供試2122個体の全ての形質について高い精度で育種価の

予測が可能であることを示し、選抜精度の向上にBLUP法が有用であることを明らかにした。さらに、BLUP法による育種価の予測値と遺伝パラメータ（遺伝率および遺伝相関）の推定値をもとに、交配後代集団における形質分離の予測モデルを構築し、後代集団の形質分離の予測をもとに最適な交配組合せの選択が可能であることを示した。

カンキツにおけるさらなる育種の効率化のためには、DNAマーカーを利用した幼苗選抜が有用である。著者は、幼苗選抜に用いられる果実形質の選抜マーカーを開発するため、‘はれひめ’と‘吉田ポンカン’の交配によるF1集団110個体を用いて連鎖地図の作成およびQTL解析を行った。Genotyping by sequencing (GBS) 法によるSNPタイピングを行い、ダブルシュードテストクロス法により‘はれひめ’と‘吉田ポンカン’それぞれの連鎖地図を作成して、果実重、糖度、浮き皮の発生程度および水腐れ症の発生率の4形質についてQTL解析を行った。その結果、果実重で4つ、糖度で1つ、浮き皮の発生程度で3つ、水腐れ症の発生程度で1つ、合計で9つの新規のQTLを検出した。また、検出したQTLの由来と後代品種・系統への遺伝を明らかにするため、QTLハプロタイプの推定とハプロタイプの祖先品種からの由来を調べ、各QTLについて選抜または淘汰の対象となるQTLハプロタイプを持つ基礎品種と後代品種を特定した。これより、QTLによる早期選抜が可能な交配組合せを明らかにした。

著者は、QTL解析の結果を補完するために、国内のカンキツ育種素材103品種・系統を材料として果実形質のゲノムワイド関連解析（genome wide association study, GWAS）も行った。GWASにおいては、果実重、果皮色、果皮の粗滑の程度、剥皮性、果肉の硬さ、じょうのう膜の硬さ、糖度および酸含量の8形質についてGBS法により得られた2354座位のSNPデータについて、家系構造と集団分化を考慮した混合モデルを用いた解析を行った。その結果、果実重で4つ、果皮色、果肉の硬さおよびじょうのう膜の硬さでそれぞれ1つずつのQTLを検出し、果実重においては上記のQTL解析と同じ領域にQTLが特定された。

さらに著者は、以上の成果にもとづいて、詳細なゲノム情報による育種素材の管理、形質データの蓄積とBLUP法による高精度の育種価評価および最適交配組合せの選択、また得られた交配実生の幼苗選抜による有望個体の育成規模の拡大、マーカー選抜が不適な量的形質に対するゲノミックセレクションの活用等を基盤要素とするカンキツにおける高精度育種システムを提示した。

## 審 査 の 要 旨

我が国においてカンキツは地域農業を支える重要な農産物であり、良食味のカンキツ品種は特産品として地域経済を活性化させる役割も持つ。このような観点から、果実形質に優れたカンキツ新品種を持続的かつ効率的に作出可能な育種システムの開発は重要な課題である。著者は、効率的なカンキツ育種システムの基盤となる研究に取り組み、国内におけるカンキツ育種素材の系譜情報を整理し、遺伝的構造を明らかにするとともに、各品種・系統について、果実形質の正確な遺伝的能力を予測した。また、カンキツの幼苗選抜の実用化を視野に、有用形質に関与するDNAマーカーの探索も行い、マーカー選抜に活用できるゲノム領域を明らかにした。これらの研究成果は、カンキツにおける革新的で効率的な育種システムの構築に大いに役立つ。また、カンキツの品種・系統の遺伝的能力評価に、家畜育種で活用されているBLUP法を導入することにより、個体選抜における精度の向上と最適な交配組合せの選択の可能性を示したことは、学術的にも高く評価できる。

平成29年1月17日、学位論文審査委員会において、審査委員全員出席のもとに論文の審査及び最終試験を行い、本論文について著者に説明を求め、関連事項について質疑応答を行った。その結果、審査委員全員によって合格と判定された。

よって、著者は博士（農学）の学位を受けるのに十分な資格を有するものとして認める。